



TITLE:

Genetic Studies on Inter-tribe Conjugation
between *Salmonella typhimurium* and
Escherichia coli K-12(Abstract_要旨)

AUTHOR(S):

Miyake, Tadashi

CITATION:

Miyake, Tadashi. Genetic Studies on Inter-tribe Conjugation between *Salmonella typhimurium* and *Escherichia coli* K-12. 京都大学, 1964, 農学博士

ISSUE DATE:

1964-03-23

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/211246>

RIGHT:

氏 名	三 宅 端 み やけ ただし
学 位 の 種 類	農 学 博 士
学 位 記 番 号	論 農 博 第 48 号
学位授与の日付	昭 和 39 年 3 月 23 日
学位授与の要件	学 位 規 則 第 5 条 第 2 項 該 当
学 位 論 文 題 目	Genetic Studies on Inter-tribe Conjugation between <i>Salmonella typhimurium</i> and <i>Escherichia coli</i> K-12 (ネズミチフス菌と大腸菌K-12株の間の族間接合の遺伝学的研究)

(主 査)
論文調査委員 教授 西山市三 教授 赤井重恭 教授 緒方浩一

論 文 内 容 の 要 旨

著者はネズミチフス菌 (*Salmonella typhimurium*) の野生株の一つLT-7の集団中に異常に高いひん度で突然変異を誘発する細胞が混入していることを発見し、この問題の解明から発足して、ネズミチフス菌と大腸菌 (*Escherichia coli*) K-12株との族間雑種にまで発展した微生物遺伝の研究結果を本論文に論述している。

1. ネズミチフス菌のmut遺伝子について

LT-7母集団から単細胞培養したいくつかの集団をつくり、これらをストレプトマイシン100γ/mlを加えた完全培地に移植したところが二つの異なった反応型が見出された。第1型の集団はこの培地上では全く増殖できなく、第2型でも大部分の細胞は増殖できないが、少数の細胞はストレプトマイシンによく耐え、増殖して集落を形成する。その後種々の実験をかさねた結果、第2型の集団が異常に高いひん度の突然変異を示すものであることが確かめられた。この特性を支配する遺伝子は mut 遺伝子と呼ばれ thr 遺伝子よりみて lac 遺伝子の反対側に座位していることが実証された。つぎに著者はバクテリオファージによる導入現象を利用して、mut 遺伝子と他の生化学的突然変異遺伝子との相互作用を研究した。その結果によれば mut 遺伝子はほとんどすべての遺伝子の復帰突然変異率を高める作用を有している。

2. ネズミチフス菌の接合因子について

著者は mut 遺伝子をもっているネズミチフス菌が大腸菌と接合することを発見し、その後種々の接合実験の結果、この接合能力も mut 遺伝子によって誘発された突然変異形質であることを明らかにし、この接合性変異株を fer 株と名づけた。

3. 族間接合による遺伝子分析

著者は独創的な実験計画にもとづいて、ネズミチフス菌と大腸菌との族間接合を利用したネズミチフス菌の遺伝子分析を試みた。

上述の fer 株と大腸菌とが接合すると、その後代に多くの遺伝子を組換えしている新しい組換体(雑種)

が現われる。しかし詳細に検討してみると、組換え体の大部分の形質はネズミチフス菌の親に由来したものであって、大腸菌からはごく一部の形質のみしか伝えられていない。この事実は、あたかもネズミチフス菌が雌株、大腸菌が雄株として接合し、その際雄株の一部の遺伝子（染色体）のみが雌株に移行するものと解釈すべきものである。

つぎに大腸菌にはHfr 因子(接合して組換え体のひん度を高める因子)を環状染色体の一部にもっているHfr 株が存在する。著者は接合法によってHfr 因子をネズミチフス菌に導入させることに成功した。現在ネズミチフス菌には一つの接合型(雌)しか発見されていない。しかし大腸菌のHfr 因子が導入されたネズミチフス菌は反対の接合型(雄)となって、普通のネズミチフス菌とよく接合して 遺伝子の組換え体を生ずるようになった。この菌株を利用することによって、従来の接合法によるネズミチフス菌の遺伝子地図を作製することも可能になり、かつネズミチフス菌の諸遺伝子は大腸菌のそれらとほぼ対立関係にあることも推測されうようになった。

さらにフェージによる 導入実験によれば、組換え体中の大腸菌由来の 遺伝子はfer 株以外のネズミチフス菌株へは、導入されにくいことが明らかにされ、その理由について論述している。

論文査審の結果の要旨

本論は腸内細菌の一種である大腸菌 K-12 株と、同じく腸内細菌に属するネズミチフス菌との族間接合、ならびにこれによって生じた族間雑種の遺伝学的研究をとりまとめたものである。著者はまず、ネズミチフス菌 LT-7 集団においては、諸遺伝子の突然変異率が著しく高いが、これは染色体上の mut 遺伝子に支配されていることを証明し、他方この mut 遺伝子の応用と適当な選抜方法を考案して、大腸菌と接合できるような特殊な接合性変異株を獲得することに成功した。ついでこの接合性変異株を利用して、ネズミチフス菌、大腸菌との交雑法(接合法)を確立して、新しい遺伝子分析法を開拓した。この族間交雑法の成功により、これら2種の細菌間の生物学的、または遺伝学的類縁性を知る多くの手がかりを得、あわせてネズミチフス菌の染色体上の遺伝子座の配列に関して多くの示唆を与えている。

以上のように本研究はすこぶる独創性にとみ、微生物遺伝学界に無類の新研究分野を開拓するとともに一般生物学上に貢献するところがはなはだ大きい。

よって本論文は農学博士の学位論文として価値あるものと認める。